

23/06/2016

Increment de la mida del genoma en híbrids de *Drosophila*



Drosophila buzzatii i *D. koepferae* són dues espècies de mosques del vinagre que comparteixen distribució en zones àrides de Bolívia i del nord-oest d'Argentina. Aquestes dues espècies tenen la capacitat de produir híbrids al laboratori quan s'encreuen mascles de *D. buzzatii* i femelles de *D. koepferae*. Els científics de la UAB han observat que el genoma de les femelles híbrides va experimentar un augment de mida que podria ser explicat per la proliferació massiva de seqüències d'ADN mòbils.

A l'esquerra, femella de *Drosophila koepferae*. A la dreta, mascle de *D. buzzatii*.

Els elements transposables són seqüències d'ADN mòbils que representen al voltant del 15% del genoma de *Drosophila*. Condicions d'estrès com ara la hibridació interespecífica poden provocar episodis inesperats de mobilització (transposició) d'aquestes seqüències. En aquest sentit, els nostres estudis previs van demostrar que la seva freqüència de mobilització augmentava significativament en el genoma dels individus híbrids respecte als parentals. No obstant això, tot i que la relació entre esdeveniments d'explosió de transposició i augment de la mida del genoma ha estat àmpliament descrita en plantes, mai no s'havia demostrat en animals.

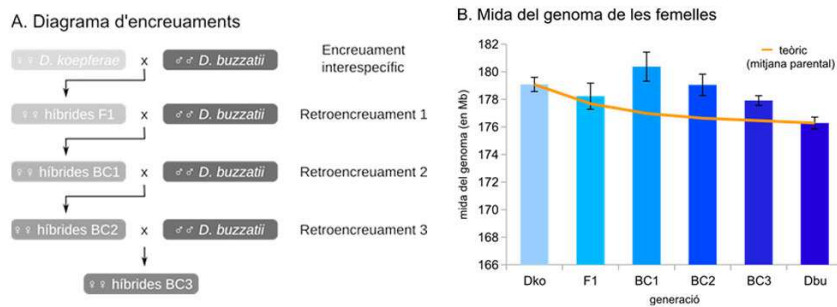


Figura 1: A) Diagrama dels encreuaments. B) Gràfic de la mida del genoma de les femelles híbrides.

Aquest treball va ser dut a terme per Valèria Romero-Soriano en col·laboració amb un laboratori francès i dirigit per la doctora M. del Pilar García Guerreiro. Els autors van estudiar l'impacte de la hibridació interespecífica sobre la mida del genoma de mascles i femelles híbrids, al llarg de quatre generacions (Figura 1A). Per a això van utilitzar la tècnica de citometria de flux, comparant el genoma de cadascuna de les generacions híbrides amb la mitjana ponderada del de les espècies parentals. Entre els resultats més remarcables cal destacar que mentre que en les femelles híbrides s'observa un augment de la mida del genoma significatiu a partir de la segona generació (Figura 1B), en els mascles les diferències respecte a la mitjana parental no són significatives. Les diferències més notables es troben en les femelles resultants del primer retroencreuament (Figura 1B).

Aquests resultats concorden amb l'augment de la taxa de transposició de diferents famílies de seqüències mòbils observada prèviament en aquests híbrids. No obstant això, tot i que la mida del genoma és més gran del que s'esperava en tots els retroencreuaments, el seu valor disminueix gradualment amb les generacions (Figura 1B). Aquest resultat pot ser explicat per l'existència d'errors en el mecanisme de regulació dels elements mòbils, que serà més gran com més gran sigui la diferència entre els genomes que es creuen. Atès que al llarg dels retroencreuaments s'introdueix genoma d'una de les espècies parentals (*D. buzzatii*, Figura 1A), això mitigarà les incompatibilitats entre genomes pal·liant els efectes de la hibridació sobre les taxes de transposició.

Els investigadors de la UAB demostren que l'increment de l'activitat de transposició prèviament demostrada en els híbrids *D. buzzatii*-*D. koepferae* té un impacte en la mida del genoma de les femelles híbrides. Amb això són pioners a demostrar que la mida dels genomes es pot veure incrementat per esdeveniments de mobilització de seqüències d'ADN en animals.

M^a del Pilar García Guerreiro

Departament de Genètica i Microbiologia
mariapilar.garcia.guerreiro@uab.es

Referències